



ТД «ЭСКО»
Точные измерения
— наша профессия!

ТЕЛЕФОН В МОСКВЕ
+7 (495) 258-80-83

БЕСПЛАТНЫЙ ЗВОНОК

ЦЕНТРАЛЬНЫЙ ОФИС В МОСКВЕ
+7 (495) 258-80-83

РАБОТАЕМ В БУДНИ С 9 ДО 18
ZAKAZ@ESKOMP.RU

Ори-
би-
по-
угл



Описание Масс-спектрометр Orbitrap™ Ascend Editions Tribid™

Расширьте масштаб своих исследований в области протеомики и анализа нативных белков, сочетая универсальность и простоту использования с масс-спектрометрами Orbitrap Ascend Editions Tribid.

Превзойдите ожидания в экспериментах и реализуйте максимум возможностей с рекомендованными конфигурациями **MultiOmics**, **Structural Biology** и **BioPharma** для масс-спектрометра **Thermo Scientific™ Orbitrap Ascend Editions Tribid™**. Каждая версия прибора содержит оптимизированный набор опций для конкретных направлений применения, упрощая выбор и ускоряя исследования.

Характеризуйте даже самые крупные биофармацевтические молекулы и белковые комплексы с помощью опции **Native MS**, которая расширяет диапазон масс Orbitrap до m/z 16 000 и обеспечивает новую квадрупольную изоляцию до m/z 8 000. Используйте возможности альтернативных методов фрагментации для анализа самых сложных молекул.

С тремя уникальными конфигурациями, предназначенными для **MultiOmics**, **Structural Biology** и **BioPharma**, масс-спектрометры **Orbitrap Ascend Editions Tribid** гарантируют получение данных высокого качества. Независимо от того, работаете ли вы с мультиплексным количественным анализом протеомов, метаболомикой, липидомикой или гликомикой, малыми молекулами или биотерапевтическими препаратами, анализом отдельных клеток или структур белков высокого порядка — эти приборы адаптированы к вашим задачам.

Основные функции и опции:

- **Native MS:** расширенный диапазон масс Orbitrap до m/z 16 000 и новая квадрупольная изоляция до m/z 8 000 для улучшенной селективности и чувствительности анализа макромолекул.
- **PTCR (Proton Transfer Charge Reduction):** уменьшение сложности спектров m/z для улучшения характеристики протеоформ на уровнях MS1 и MS2.
- **UVPD (Ultraviolet Photodissociation):** улучшенная фрагментация для top-down протеомики, олигонуклеотидов, липидомики и других соединений.
- **Easy-ETD:** высокая полнота покрытия белковых последовательностей, включая определение лабильных посттрансляционных модификаций (PTMs).
- **EASY-IC:** суб-1 ppm точность масс благодаря внутренней калибровке.
- **Dual IRMs:** два ионно-направляющих модуля для увеличения скорости сканирования и чувствительности, что повышает уверенность идентификации молекул.
- **Real-Time Library Search:** повышенная точность идентификации пептидов или малых молекул в режиме MSn.
- **Auto-Ready:** новая автоматическая ионная система для автокалибровки, сокращающая время настройки.
- **Готовые шаблоны методов:** оптимизированные предустановленные методики для каждой версии прибора, охватывающие широкий спектр приложений.
- **Dry-Pump:** экологически безопасный, безмасляный сухой насос, обеспечивающий герметичность вакуумной системы и снижение затрат на обслуживание.

Характеристики Масс-спектрометр Orbitrap™ Ascend Editions Tribid™

Технические характеристики:

- **Габариты (Д × Ш × В):** 81 × 127 × 70 см (32 × 50 × 28 дюймов)
- **Динамический диапазон:** > 5000 в одном сканировании
- **Массовая точность:** < 3 ppm RMS (внешняя калибровка)
- **Переключение полярности:** полный цикл < 1,1 секунды
- **Скорость сканирования:** до 45 Гц
- **Вес:** 181 кг (≈ 400 фунтов)
- **Диапазон масс:** 40–6000 m/z
- **Максимальное разрешение:** до 480 000 при m/z 200
- **Тип:** Tribid MS, стандартная конфигурация
- **Комплект поставки:** один прибор

© 2012-2026, ЭСКО
Контрольно измерительные
приборы и оборудование

ТЕЛЕФОН В МОСКВЕ
+7 (495) 258-80-83